

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИЙ КЛЕЩЕЙ *IXODES PERSULCATUS* SHULZE

Т.А. Мухачева

Уральский государственный университет, Екатеринбург. E-mail:  
tmukhacheva11@yandex.ru

Клещи *Ixodes persulcatus* Shulze имеют широчайший ареал от Прибалтики до Дальнего Востока и являются основным переносчиком возбудителей клещевого энцефалита и Лайм-боррелиоза в России. Несмотря на большое эпидемическое значение, современные представления о популяционной структуре и эволюции *Ixodes persulcatus* крайне фрагментарны и противоречивы. Таким образом, целью нашего исследования стало установление генетической структуры популяций *I. persulcatus*. Для решения задач подобного рода исследуют изменчивость генетических маркеров с разной скоростью накопления мутаций; наиболее часто используются митохондриальные гены, участки генов ядерной рРНК, микросателлиты.

На первом этапе в качестве маркеров нами были выбраны вариабельный регион D3 28S рРНК и участок гена 12S рРНК митохондрий, так как они часто используются в филогеографических исследованиях иксодовых клещей. Фрагменты ДНК были амплифицированы методом ПЦР и секвенированы для 27 и 63 особей *I. persulcatus* по 28S рРНК и 12S рРНК соответственно. Выборка клещей включала особей, собранных на территории Башкортостана, Свердловской и Тюменской областей, Ханты-Мансийского АО, Курганской, Омской, Иркутской областей, а также Сахалина.

В результате нами было показано отсутствие внутривидовой изменчивости *I. persulcatus* по региону D3 28S рРНК на территории РФ. Аналогичные результаты были получены и по 12S рРНК, за исключением 2 гаплотипов, имеющих по одной нуклеотидной замене. Оба гаплотипа были обнаружены в единичном экземпляре в окрестностях г.Тавда (Свердловская область). Полученные результаты свидетельствуют о наиболее низкой генетической вариабельности популяций *Ixodes persulcatus* среди близких видов рода *Ixodes*, в частности *I. scapularis*, *I. pacificus* и *I. ricinus* (Casati et al., 2008).

Таким образом, нами была показана непригодность вышеуказанных маркеров для изучения внутривидовой вариабельности популяций *Ixodes persulcatus*, в связи, с чем были привлечены более вариабельные митохондриальные маркеры, позволившие нам выделить группы гаплотипов, характеризующихся определенным географическим распределением. Так, было исследовано 66 особей по фрагменту гена  $\text{I}^{\text{ой}}$  субъединицы цитохромоксидазы (COI, 1175 н.п.) и 39 особей из той же выборки – по контрольному региону мтДНК (CR, около 487 н.п.). Первый маркер позволил нам выделить 3 группы гаплотипов: первая (56 %) встречается на всей изучаемой территории от Сахалина до Башкортостана; вторая (32 %)

ограничивается территорией Урала и Западной Сибири; третья (12 %) характерна для Сахалина и Восточной Сибири (Иркутская область). Использование другого маркера (CR) подтверждает выделение второй группы гаплотипов, в то время как разделить остальные две с его помощью не удастся; данную проблему возможно решить путем привлечения дополнительных маркеров, например, 16S рРНК.

Результаты, полученные по 28S и 12S рРНК, предполагают сравнительно недавнее расселение популяции *I. persulcatus* по ареалу, скорее всего, из одного рефугиума, сформировавшегося во время последнего плейстоценового оледенения. В то же время использование варибельных маркеров позволяет выявить сложную генетическую структуру популяций *Ixodes persulcatus*, сложившуюся после расселения. Дальнейшее изучение популяций данного вида, а также переносимых им патогенов поможет понять процессы, которые привели к наблюдаемому распределению очагов передающихся клещами инфекций.

#### Библиографический список

Casati S. et al. Assessment of intraspecific mtDNA variability of European *Ixodes ricinus* sensu stricto (Acari: Ixodidae) // Infect Genet Evol. 2008. Vol. 8. № 2. P. 152-158.

## ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ АЛЬТЕРНАТИВНОЙ ОКСИДАЗЫ У *LUPINUS LUTEUS*

**Н.С. Белозерова, Е.С. Пожидаева, В.В. Кузнецов**

Учреждение Российской академии наук Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва E-mail: n\_belozerova@list.ru

Фермент альтернативная оксидаза (АОХ) к настоящему времени обнаружена у всех исследованных видов растений, у многих эукариотических видов водорослей, грибов, а так же в митохондриях некоторых простейших. Она является альтернативной терминальной оксидазой в электрон-транспортной цепи (ЭТЦ) митохондрий и осуществляет окисление убихинола с восстановлением молекулы кислорода до воды, минуя два из трех пунктов сопряжения на ЭТЦ. У растений фермент представлен несколькими формами, кодируемыми двумя семействами ядерных генов АОХ (АОХ1 и АОХ2), подразделяющихся на подсемейства. Различные формы либо экспрессируются конститутивно, либо регулируются различными факторами (Polidoros et al., 2009).

Несмотря на сохранение своей функции у представителей различных систематических групп фермент сильно различается по нуклеотидной последовательности даже у близкородственных видов. Аминокислотная